

Institut für Humangenetik

Prof. Dr. med. Martin Zenker, OÄ Dr. med. Ina Schanze
Leipziger Str. 44
39120 Magdeburg
Telefon: 0391/67-15062
Fax: 0391/67-15066
<http://www.med.uni-magdeburg.de/ihg>

Barcode - bitte Feld nicht beschreiben

--

Auftrag zur tumorzytogenetischen Untersuchung

⇒ bei ÜSchein bitte Einwilligung nach GenDG beilegen!

Patientendaten (ggf. Aufkleber)		Einsender (ggf. Stempel)	
Name:		Name:	
Vorname:		Adresse:	
Geburtsdatum:		Tel.-Nr:	
männl. ☐ weibl. ☐			
Kostenträger			
☐ GKV-Patient/-in > bitte Ü-Schein für Labor (Muster 10) beilegen			
☐ Selbstzahler ☐ ambulant ☐ stationär			
☐ Rechnung an Krankenhaus			
Probenmaterial			
Entnahmedatum:		Uhrzeit der Entnahme:	
☐ Blut		☐ Sonstiges (bitte differenzieren)	
☐ Knochenmark			
		(5-10ml Heparin-Knochenmark/Blut ungekühlt)	
Indikation/Fragestellung		Art der gewünschten Untersuchung	
		☐ Chromosomenanalyse	
		☐ FISH (ggf. auf Zusatzbogen spezifizieren)	
Klinische und anamnestische Angaben			
☐ Erstuntersuchung ☐ Verlaufskontrolle			
Leukozyten: /µl		Differential-BB:	
Hämoglobin: g/dl		Myelobl.: %	Stab: % Mono.: %
Thrombozyten: /µl		Promyeloz.: %	Segm.: % Lympho.: %
		Myeloz.: %	Eos.: % Blasten: %
		Jugendl.: %	Baso.: %
Transplantation:			
☐ vor SCT			
☐ nach SCT Donor: ☐ männlich			
☐ weiblich			

Name des Patienten:

Weitere pathologische Befunde:

Zytogenetische Vorbefunde:

Untersuchungsmaterial: 5-10ml Knochenmark (2. Portion bei Punktion) oder 10-20ml Blut, Antikoagulans Heparin (Verhältnis 1:10 zu Knochenmark, kein EDTA, kein Citrat, kein NH₄); Versand möglichst per 24h-Express.

Name des Patienten:

Zusatzbogen Fluoreszenz in situ Hybridisierung

Die angebotenen Analysen orientieren sich an den Empfehlungen des European Leukemia Network (Konsensus Protokoll Zytogenetik/FISH, Haerlach et al. Genes, Chromosomes & Cancer 46, 444-449, 2007)

Untersuchungsauftrag (bitte ankreuzen ☒)	
Akute lymphatische Leukämie ALL der B-Zellreihe <i>Translokationen</i> ☐ BCR/ABL1-Rearrangement / t(9;22)(q34;q11) ☐ MLL-Rearrangement (11q23) ☐ IGH-Rearrangement (14q32) ☐ ETV6-RUNX1-Rearrangement / t(12;21)(p13;q22) ☐ weitere RUNX1-Rearrangements / RUNX1-Amplifikationen (21q22) ☐ CMYC-Rearrangement (8q24) <i>Deletionen, Trisomien, Monosomien</i> ☐ Polysomien X, 4, 6, 8, 10, 14, 17, 18, 21 (hochhyperdiploider Karyotyp) ☐ Monosomien 4, 7, 10, 17 (Hypodiploider Karyotyp) ☐ 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) ☐ 9p21-Deletion (CDKN2A) „Ph-like“ ALL ☐ PDGFRB-Rearrangement (5q32-33) ☐ ETV6-Rearrangement (12p13) ALL der T-Zellreihe <i>Translokationen/Fusionen</i> ☐ TCRA/D-Rearrangement (14q11) <i>Deletionen</i> ☐ 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) ☐ 9p21-Deletion (CDKN2A) Akute myeloische Leukämie <i>Translokationen / Inversionen</i> ☐ PML-RARA-Rearrangement / t(15;17)(q22;q12) ☐ RUNX1-RUNX1T1-Rearrangement / t(8;21)(q22;q22) ☐ CBFβ-MYH11-Rearrangement / inv(16)(p13q22) / t(16;16) ☐ MLL-Rearrangement (11q23) ☐ EVI1 (MECOM)-Rearrangement (3q26) ☐ Bestätigung anderer mittels Chromosomenanalyse nachgewiesener Aberrationen als Ausgangsbefund für Verlaufskontrollen: z.B. Trisomie 1q, X/Y-Verlust... <i>Deletionen, Trisomien, Monosomien</i> ☐ 5q31-Deletion (CDC25C, EGR1) ☐ 5q33-Deletion (RPS14) ☐ 7q31-Deletion ☐ 17p13-Deletion (TP53) ☐ 20q12-Deletion (D20S108) ☐ Trisomie 8 (cen8) ☐ Trisomie 11 (cen11) ☐ Trisomie 13 (13q14/RB1) ☐ Monosomie 7 (cen7)	Myelodysplastisches Syndrom <i>Deletionen</i> ☐ 5q31-Deletion (CDC25C, EGR1) ☐ 5q33-Deletion (RPS14) ☐ 7q31-Deletion ☐ 17p13-Deletion (TP53) ☐ 20q12-Deletion (D20S108) <i>Zytogenetisch kryptische Aberrationen</i> ☐ 12p13-Deletion (ETV6) ☐ 21q22-Deletion (RUNX1PS14) ☐ EVI1 (MECOM)-Rearrangement (3q26) <i>Trisomien, Monosomien</i> ☐ Trisomie 1 bzw. 1q (1p32/CDKN2C, 1q21/CKS1B) ☐ Monosomie 7 (cen7) ☐ Trisomie 8 (cen8) ☐ Y-Verlust (cenY) ☐ Bestätigung anderer mittels Chromosomenanalyse nachgewiesener Aberrationen als Ausgangsbefund für Verlaufskontrollen: z.B. 11q-Deletion, 12p-Deletion... Schwere Aplastische Anämie <i>Deletionen</i> ☐ 13q14-Deletion (DLEU) ☐ 17p13-Deletion (TP53) <i>Trisomien, Monosomien</i> ☐ Trisomie 6 (6q21/SEC63, 6q23/MYB) ☐ Monosomie 7 bzw. 7q-Deletion (cen7/7q31) ☐ Trisomie 8 (cen8) ☐ Trisomie 21 (21q22/RUNX1) Chronische myeloische Leukämie ☐ BCR/ABL1-Rearrangement / t(9;22)(q34;q11) <i>Trisomien, Monosomien</i> ☐ Trisomie 8 (cen8) ☐ Isochromosom 17q (17p13/TP53-Deletion, 17q11/NF1-Zugewinn) Myeloproliferative Neoplasien ☐ BCR/ABL1-Rearrangement / t(9;22)(q34;q11) <i>Trisomien, Monosomien</i> ☐ Trisomie 1 bzw. 1q (1p32/CDKN2C, 1q21/CKS1B) ☐ Trisomie 8 (cen8) ☐ Trisomie 9 (cen9) ☐ 20q12-Deletion (D20S108)

Name des Patienten:

Untersuchungsauftrag (bitte ankreuzen ☑)	
Chronische myelomonozytäre Leukämie ☐ 7q31-Deletion / Monosomie 7 (cen7/7q31) ☐ Trisomie 8 (cen8) Chronische Eosinophilen Leukämie/ Hypereosinophiles Syndrom ☐ 4q12-Deletion (CHIC2, Korrelat zu FIP1L1-PDGFR1-Rearrangement) ☐ PDGFRB-Rearrangement (5q32-33) ☐ FGFR1-Rearrangement (8p11) ☐ ETV6-Rearrangement (12p13) Chronische Lymphatische Leukämie <i>Translokationen</i> ☐ IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) ☐ IGH-BCL2-Rearrangement / t(14;18)(q32;q21) ☐ IGH-Rearrangement unabhängig vom Partnergen (14q32) <i>Deletionen, Trisomien</i> ☐ 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) ☐ 11q22.3-Deletion (ATM) ☐ 13q14-Deletion (DLEU) ☐ 17p13-Deletion (TP53) ☐ Trisomie 12 (cen12/MDM2) NHL/Lymphome <i>Translokationen</i> ☐ IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) ☐ IGH-BCL2-Rearrangement / t(14;18)(q32;q21) ☐ IGH-MYC-Rearrangement / t(8;14)(q24;q32) ☐ IGH-Rearrangement unabhängig vom Partnergen (14q32) ☐ BCL6-Rearrangement (3q27) ☐ CMYC-Rearrangement (8q24) ☐ TCRA/D-Rearrangement (14q11) ☐ BIRC3-MALT1-Rearrangement / t(11;18)(q21;q21) ☐ ALK-Rearrangement (2p23) <i>Deletionen, Trisomien</i> ☐ 6q21/6q23-Deletion (SEC63/MYB) ☐ 11q22.3-Deletion (ATM) ☐ 13q14-Deletion (D13S25 bzw D13S319) ☐ 17p13-Deletion (TP53) ☐ Trisomie 3 / partielle Trisomie 3q (3q27/BCL6) ☐ Trisomie 12 (cen12) Morbus Waldenström ☐ 3q-Zugewinn (BCL6/3q27) ☐ 6q-Deletion (6q21/SEC, 6q32/MYB) ☐ 8q-Zugewinn (CMYC/8q24) ☐ 11q-Deletion (ATM/11q22) ☐ 13q-Deletion (DLEU/13q14) ☐ 17p13-Deletion (17p13) ☐ Trisomie 18 (BCL2/18q21)	Mantelzelllymphom ☐ IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) ☐ 17p13-Deletion (TP53) ☐ 9p21-Deletion (CDKN2A) ☐ 13q14-Deletion (RB1) T-Prolymphozytenleukämie <i>Translokationen / Inversionen</i> ☐ TCRA/D-Rearrangement (14q11) <i>Deletionen, Zugewinne</i> ☐ 8q24-Zugewinn (CMYC) ☐ 11q22-Deletion (ATM) ☐ 12p13-Deletion (ETV6) ☐ 17p13-Deletion (TP53) Multiples Myelom <i>Translokationen</i> ☐ IGH-Rearrangement unabhängig vom Partnergen (14q32) ☐ IGH-FGFR3-Rearrangement / t(4;14)(p16;q32) ☐ IGH-CCND1-Rearrangement / t(11;14)(q13;q32) ☐ IGH-MAF-Rearrangement / t(14;16)(q32;q23) ☐ IGH-CCND3-Rearrangement / t(6;14)(p21;q32) ☐ CMYC-Rearrangement (8q24) <i>Deletionen, Trisomien, Monosomien</i> ☐ 13q14-Deletion/Monosomie 13 (DLEU) ☐ 17p13-Deletion (TP53) ☐ 1p32-Deletion / 1q21-Zugewinn (CDKN2C, CKS1B) ☐ 12p13-Deletion (ETV6) ☐ Trisomie 3 (cen3) ☐ Trisomie 9 (cen9) ☐ Trisomie 11 (cen11) ☐ Trisomie 5 (5p15/CDC25C und 5q31/EGR1) Sonstige Anforderungen (bitte spezifizieren) ☐ ☐ ☐